

711	720	729	738	747	756
GAT GAC CCC GTT TCC TAT CCA TGG ATA AGC ACC TCA GAA AAA GAA TAC ATC ATA					
D D P V S Y P W I S T S E K E Y I I					
765	774	783	792	801	810
TCC TCC TTG AAA CAA CAG GTC GGG TCT TCT AAG CAG CCT CTT CCC ATC AAA GCT					
S S L K Q Q V G S S K Q P L P I K A					
819	828	837	846	855	864
ATG CTC AGA TCT CTA CCC ATT TGG TCC ATA TGT TTA GGC TGT TTC AGC CAT CAA					
M L R S L P I W S I C L G C F S H Q					
873	882	891	900	909	918
TGG TTA GTT AGC ACA ATG GTT GTA TAC ATA CCA ACT TAC ATC AGC TCT GTG TAC					
W L V S T M V V Y I P T Y I S S V Y					
927	936	945	954	963	972
CAT GTT AAC ATC AGA GAC AAT GGA CTT CTA TCT GCC CTT CCT TTT ATT GTT GCC					
H V N I R D N G L L S A L P F I V A					
981	990	999	1008	1017	1026
TGG GTC ATA GGC ATG GTG GGA GGC TAT CTG GCA GAT TTC CTT CTA ACC AAA AAG					
W V I G M V G G Y L A D F L L T K K					
1035	1044	1053	1062	1071	1080
TTT AGA CTC ATC ACT GTG AGG AAA ATT GCC ACA ATT TTA GGA AGT CTC CCC TCT					
F R L I T V R K I A T I L G S L P S					
1089	1098	1107	1116	1125	1134
TCA GCA CTC ATT GTG TCT CTG CCT TAC CTC AAT TCC GGC TAT ATC ACA GCA ACT					
S A L I V S L P Y L N S G Y I T A T					
1143	1152	1161	1170	1179	1188
GCC TTG CTG ACG CTC TCT TGC GGA TTA AGC ACA TTG TGT CAG TCA GGG ATT TAT					
A L L T L S C G L S T L C Q S G I Y					
1197	1206	1215	1224	1233	1242
ATC AAT GTC TTA GAT ATT GCT CCA AGG TAT TCC AGT TTT CTC ATG GGA GCA TCA					
I N V L D I A P R Y S S F L M G A S					
1251	1260	1269	1278	1287	1296
AGA GGA TTT TCG AGC ATA GCA CCT GTC ATT GTA CCC ACT GTC AGC GGA TTT CTT					
R G F S S I A P V I V P T V S G F L					
1305	1314	1323	1332	1341	1350
CTT AGT CAG GAC CCT GAG TTT GGG TGG AGG AAT GTC TTC TTC TTG CTG TTT GCC					
L S Q D P E F G W R N V F F L L F A					
1359	1368	1377	1386	1395	1404
GTT AAC CTG TTA GGA CTA CTC TTC TAC CTC ATA TTT GGA GAA GCA GAT GTC CAA					
V N L L G L L F Y L I F G E A D V Q					

FIGURE 1B

1413	1422	1431	1440	1449	1458
GAA TGG GCT AAA GAG AGA AAA CTC ACT CGT TTA TGA AGT TAT CCC ACC TTG GAT					
E W A K E R K L T R L					
1467	1476	1485	1494	1503	1512
GGA AAA GTC ATT AGG CAC CGT ATT GCA TAA AAT AGA AGG CTT CCG TGA TGA AAA					
1521	1530	1539	1548	1557	1566
TAC CAG TGA AAA GAT TTT TTT TTC CTG TGG CTC TTT TCA ATT ATG AGA TCA GTT					
1575	1584	1593	1602	1611	1620
CAT TAT TTT ATT CAG ACT TTT TTT TGA GAG AAA TGT AAG ATG AAT AAA AAT TCA					
1629	1638				
AAT AAA ATG ATA ACT AAG AAT GC 3'					

FIGURE 1C

1	MQVDE	- - - - -	T L I P R K V P S L	- - - - -	- - - - -	- - - - -	754412
1	MQMDN	- - - - -	R L P E K K V P G F	- - - - -	- - - - -	- - - - -	GI 450532
1	MEFRQEERKL	A G R A L G R L	H R L L E K R Q E G A E T L E L S A D G R	GI 507415			
16	- - - - -	- - - - -	C S A	- - - - -	R Y G I A L V	- L H F C N F T T I A	754412
16	- - - - -	- - - - -	C S F	- - - - -	R Y G L S F L	- V H C C N V I I T A	GI 450532
41	P V T H T R D P P V V D C	T C F G L P R R Y I I A	I M S G L G F C	- - - - -	I S F G	GI 507415	
36	Q N V I M N I T M V A M V N S T S P Q S Q L N D S S E V L	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	754412
36	Q R A C L N L T M V V M V N S T D P H G L P N T S T K K L	L D N I K N P M Y N W	GI 450532				
79	I R C N L G V A I V S M V N N S T H - - - - R G G H V V - - - - V Q K A Q F N W G I	507415					
65	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	P V D S F G G L S K A P K S L	- - - - -	754412
76	S P D I Q G I I L S S T S Y G V I I I Q V P V G Y F S G I Y S T K K M I G F A L	GI 450532					
112	D P E T V G L I H G S F F W G Y I V T Q I P G G F I C Q K F A A N R V F G F A I	GI 507415					
80	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	P A K S S I L G G Q F	754412
116	C L S S V L S L L I P P A A G I G V A W V V C R A V Q G A A Q G I V A T A Q F	GI 450532					
152	V A T S T L N M L I P S A A R V H Y G C V I F V R I L Q G L V E G V T Y P A C H	GI 507415					
91	A I W E R W G P P Q E R S R L C S I A L S G M L L G C F T A I L I G G F I S E T	754412					
156	E I Y V K W A P P L E R G R L T S M S T S G F L L G P F I V L L V T G V I C E S	GI 450532					
192	G I W S K W A P P L E R S R L A T T A F C G S Y A G A V V A M P L A G V L V Q Y	GI 507415					
131	L G W P F V F Y I F G G V G C V C C L L W F V V I Y D D P V S Y P W I S T S E K	754412					
196	L G W P M V F Y I F G A C G C A V C L L W F V L F Y D D P K D H P C I S I S E K	GI 450532					
232	S G W S S V F Y V Y G S F G I F W Y L F W L L V S Y E S P A L H P S I S E E R	GI 507415					
171	E Y I I S S L K Q Q V - - - - G S S K Q P L P I K A M L R S L P I W S I C L G C	754412					
236	E Y I T S S L V Q Q V - - - - S S S R Q S L P I K A I L K S L P V W A I S I G S	GI 450532					
272	K Y I E D A I G E S A K L M N P V T K F N T P W R R F F T S M P V Y A I I V A N	GI 507415					

207	F	S	H	Q	W	L	V	S	T	M	V	V	Y	I	P	T	Y	I	S	S	V	Y	H	V	N	I	R	D	N	G	L	S	A	L	P	F	I	V	A	754412		
272	F	T	F	F	W	S	H	N	I	M	T	L	Y	T	P	M	F	I	N	S	M	L	H	V	N	I	K	E	N	G	F	L	S	S	L	P	Y	L	F	A	GI 450532	
312	F	C	R	S	W	T	F	Y	L	L	I	S	Q	P	A	Y	F	E	E	V	F	G	F	E	I	S	K	V	G	L	V	S	A	L	P	H	L	V	M	GI 507415		
247	W	V	I	G	M	V	G	G	Y	L	A	D	F	L	L	T	K	K	-	F	R	L	I	T	V	R	K	I	A	T	I	L	G	S	L	P	S	S	A	L	754412	
312	W	I	C	G	N	L	A	G	Q	L	S	D	F	F	L	T	R	N	I	L	S	V	I	A	V	R	K	L	F	T	A	A	G	F	L	L	P	A	I	F	GI 450532	
352	T	I	I	V	P	I	G	Q	I	A	D	F	L	R	S	R	H	I	M	S	T	T	N	V	R	K	L	M	N	C	G	G	F	G	M	E	A	T	L	GI 507415		
286	I	V	S	L	P	Y	L	N	S	G	Y	I	T	A	T	A	L	T	L	S	C	G	L	S	T	L	C	Q	S	G	I	Y	I	N	V	L	D	I	A	754412		
352	G	V	C	L	P	Y	L	S	T	F	Y	S	I	V	I	F	L	I	L	A	G	A	T	G	S	F	C	L	G	G	V	F	I	N	G	L	D	I	A	GI 450532		
392	L	L	V	V	G	Y	S	H	S	K	G	V	A	I	S	-	F	L	V	L	A	V	G	F	S	G	F	A	I	S	G	F	N	V	N	H	L	D	I	A	GI 507415	
326	P	R	Y	S	S	F	L	M	G	A	S	R	G	F	S	S	I	A	P	V	I	V	P	T	V	S	G	F	L	L	S	Q	D	P	E	F	F	G	W	R	N	754412
392	P	R	Y	F	G	F	I	K	A	C	S	T	L	T	G	M	I	G	G	L	I	A	S	T	L	T	G	L	I	L	K	Q	D	P	E	S	A	W	F	K	GI 450532	
431	P	R	Y	A	S	I	L	M	G	I	S	N	G	V	G	T	L	S	G	M	V	C	P	I	I	V	G	A	M	T	K	H	K	T	R	E	E	W	Q	Y	GI 507415	
366	V	F	F	L	F	A	V	N	L	L	G	L	L	F	Y	L	I	F	G	E	A	D	V	Q	E	W	A	K	E	R	K	L	T	R	-	-	-	-	-	754412		
432	T	F	I	L	M	A	A	I	N	V	T	G	L	I	F	Y	L	I	V	A	T	A	E	I	Q	D	W	A	K	E	K	Q	H	T	R	-	-	-	-	-	GI 450532	
471	V	F	F	L	I	A	S	L	V	H	Y	G	G	V	I	F	Y	G	V	F	A	S	G	E	K	Q	P	W	A	E	P	E	M	S	E	E	K	C	G	F	GI 507415	
401	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	754412			
467	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	GI 450532			
511	V	G	H	D	Q	L	A	G	S	D	E	S	E	M	E	D	E	V	E	P	P	G	A	P	P	P	P	S	Y	G	A	T	H	S	T	V	Q	P	GI 507415			
401	-	-	-																																							

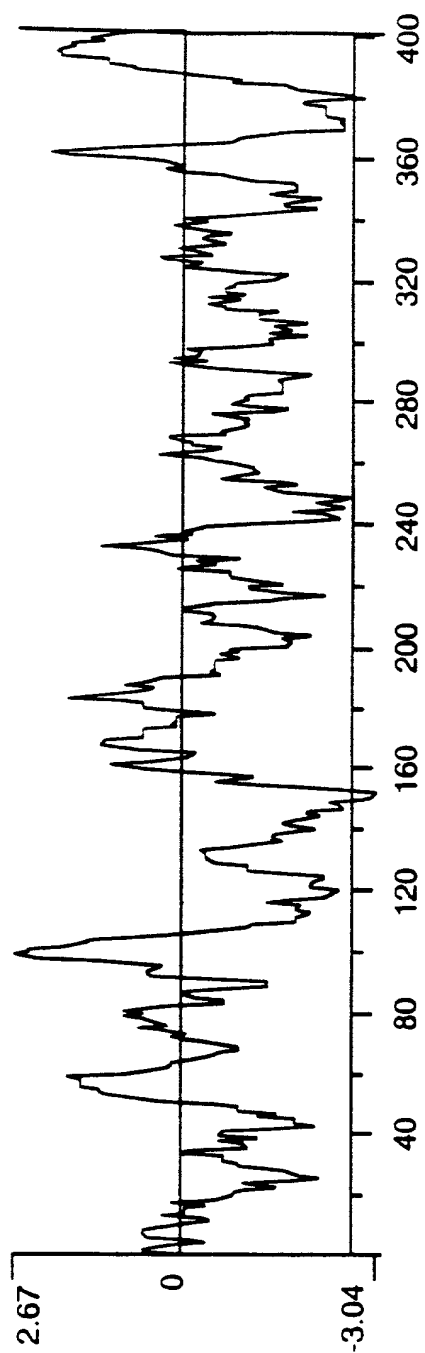


FIGURE 3A

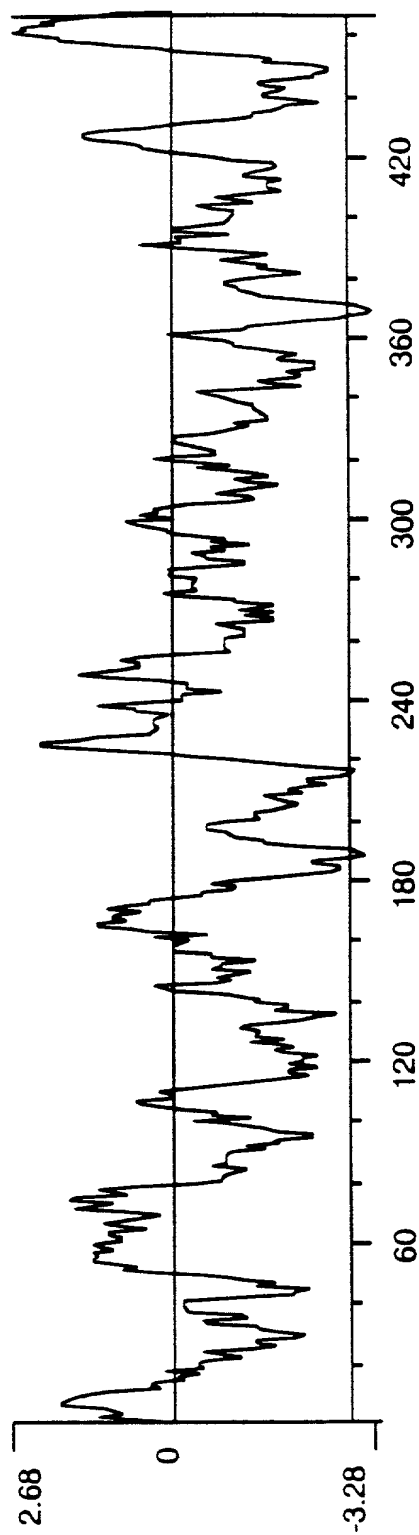


FIGURE 3B

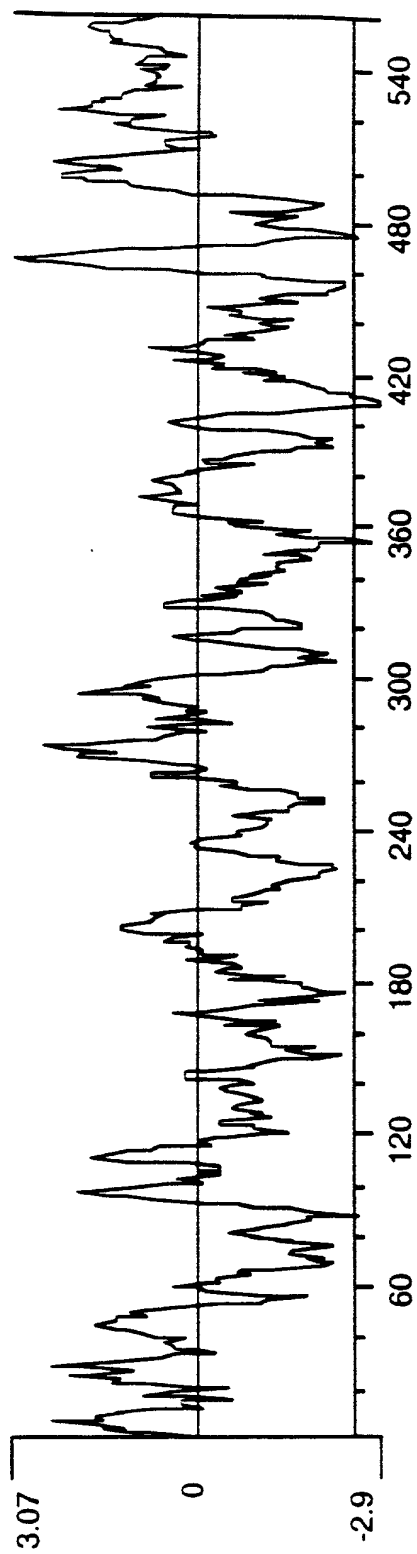


FIGURE 3C